

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2005 年 8 月 25 日 (25.08.2005)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2005/078092 A1

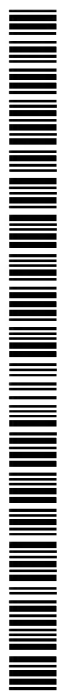
- (51) 国際特許分類: C12N 15/11, C12Q 1/68
- (21) 国際出願番号: PCT/JP2005/002335
- (22) 国際出願日: 2005 年 2 月 16 日 (16.02.2005)
- (25) 国際出願の言語: 日本語
- (26) 国際公開の言語: 日本語
- (30) 優先権データ:
特願2004-040376 2004 年 2 月 17 日 (17.02.2004) JP
- (71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): サッポロ
ビール株式会社 (SAPPORO BREWERIES LIMITED)
[JP/JP]; 〒1508522 東京都渋谷区恵比寿四丁目 2 〇 番
1 号 Tokyo (JP).
- (72) 発明者; および
- (75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 中北 保一
(NAKAKITA, Yasukazu) [JP/JP]; 〒4250013 静岡県焼
津市岡当日 1 〇 番地サッポロビール株式会社 価値
創造フロンティア研究所内 Shizuoka (JP). 土屋 陽一
(TSUCHIYA, Youichi) [JP/JP]; 〒4250013 静岡県焼津
市岡当日 1 〇 番地サッポロビール株式会社 価値創
造フロンティア研究所内 Shizuoka (JP).
- (74) 代理人: 長谷川 芳樹, 外 (HASEGAWA, Yoshiki et al.);
〒1040061 東京都中央区銀座一丁目 1 〇 番 6 号銀座
ファーストビル 創英国際特許法律事務所 Tokyo (JP).
- (81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が
可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR,
BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT,
LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI,
NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG,
SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ,
VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.
- (84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護
が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA,
SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ,
BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE,
BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU,
IE, IS, IT, LT, LU, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR),
OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML,
MR, NE, SN, TD, TG).
- 添付公開書類:
— 国際調査報告書
— 電子形式により別個に公開された明細書の配列表部
分、請求に基づき国際事務局から入手可能
- 2 文字コード及び他の略語については、定期発行される
各 PCT ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: METHOD OF DETECTING AND IDENTIFYING GRAM-NEGATIVE OBLIGATIVE ANAEROBIC BACTERIUM

(54) 発明の名称: 偏性嫌気性グラム陰性菌の検出・識別方法

(57) Abstract: It is intended to provide a method of detecting a gram-negative obligative anaerobic bacterium causing clouding in beer and a method of simultaneously detecting and identifying various beer-clouding bacteria including the above-described one.

(57) 要約: ビールを混濁させ得る偏性嫌気性グラム陰性菌を検出する方法、当該菌を含めた様々なビール混濁菌を同時に検出・識別する方法を提供する。



WO 2005/078092 A1

明 細 書

偏性嫌気性グラム陰性菌の検出・識別方法

技術分野

[0001] 本発明は、偏性嫌気性グラム陰性菌の検出・識別方法に関する。

背景技術

[0002] 近年のビールの生ビール化への流れは、ビール鮮度という新たな価値観をもたらした。こうした背景から、ビール製造会社にとっては、ビールの製造から出荷までの時間を劇的に短縮するために、ビールを混濁させる菌（ビール混濁菌）の汚染を迅速かつ正確に判定する必要が高まっている。

[0003] 偏性嫌気性菌であるペクチネータス属菌（*Pectinatus*）及びメガスフェラ属菌（*Megasphaera*）は、製品ビールの嫌気度が高まるにしたがって汚染事故の原因菌としての危険度が増すため、これらの菌群を迅速かつ正確に検出することが望まれている。これらの菌群の検出方法として、従来より、抗原抗体反応を利用した検出法（例えば、非特許文献1参照）、PCR法（ポリメラーゼ連鎖反応法）による検出法（例えば、特許文献1参照）、FISH法（蛍光in situハイブリッド形成法）による検出法（例えば、特許文献2参照）などが知られている。

[0004] 特許文献1：特再平09-820071号公報

特許文献2：特開2001-145492号公報

非特許文献1：J. Am. Soc. Brew. Chem.: 51(4), 158-163, 1993

発明の開示

発明が解決しようとする課題

[0005] しかしながら、本発明者らは、ビールを混濁させる新規な偏性嫌気性グラム陰性菌を発見し、上記従来技術の方法では当該菌を検出できない可能性があることを見出した。

[0006] したがって、本発明の目的は、従来の方法では検出できなかった、ビールを混濁させ得る偏性嫌気性グラム陰性菌を検出する方法を提供することにある。本発明の目的は、さらに、当該菌を含めた様々なビール混濁菌を同時に検出・識別する方法を

提供することにある。

課題を解決するための手段

- [0007] 上記目的を達成するために、本発明は、配列番号1に示す塩基配列の全部又は一部からなるポリヌクレオチドを提供する。
- [0008] また、本発明は、配列番号2に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなる、マレフィラス・シェルビシエ (*Malephilus cerevisiae*) 検出用プライマーセット、並びに、当該プライマーセットを用いて核酸断片を増幅する工程、及び、得られた核酸断片を検出する工程を含むことを特徴とする遺伝子増幅法によるマレフィラス・シェルビシエ (*Malephilus cerevisiae*) の検出方法を提供する。
- [0009] さらに、本発明は、配列番号8に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号6に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなるビール混濁菌の検出・識別用プライマーセット、配列番号4に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号7に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号5に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなるビール混濁菌の検出・識別用プローブセット、当該プライマーセット及び当該プローブセットを含むことを特徴とするビール混濁菌の検出・識別用キット、並びに、当該プライマーセットを用いて核酸断片を増幅する工程、及び、得られた核酸断片と請求項4記載のプローブセットとのハイブリッドの融解温度を測定する工程を含むことを特徴とするビール混濁菌の検出・識別方法を提供する。
- [0010] 本発明者らは、既知の方法では検出できないビールを混濁させ得る偏性嫌気性グラム陰性菌であるマレフィラス・シェルビシエ (*Malephilus cerevisiae*) を分離することに成功し、*Malephilus cerevisiae* SBC8034株(未承認名)の16S リボソーマルRNA遺伝子(16S rRNA遺伝子)の塩基配列が配列番号1に示す塩基配列であることを明らかにした。本菌株は、独立行政法人 産業技術総合研究所 特許生物寄託センター(日本国茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6(郵便番号305-8566))に2003年10月21日に寄託されており、その寄託番号はFERM BP-08528である。
- [0011] *Malephilus cerevisiae*検出用プライマーセットを用いることにより、*Malephilus*

cerevisiaeの16S rRNA遺伝子の特異的に増幅することができるため、*Malephilus cerevisiae*を検出することが可能となる。

- [0012] また、ビール混濁菌の検出・識別用プライマーセットを用いることにより、様々なビール混濁菌の16S rRNA遺伝子を増幅することができる。そして、得られた核酸断片とビール混濁菌の検出・識別用プローブセットとのハイブリッドを形成させ、当該ハイブリッドの融解温度を測定することにより、核酸断片の由来している混濁菌の種類の違いによって融解温度が異なるため、融解温度の違いによりビール混濁菌の検出及び識別することが可能となる。

発明の効果

- [0013] 従来の方法では検出できなかった、ビールを混濁させ得る偏性嫌気性グラム陰性菌を検出する方法、当該菌を含めた様々なビール混濁菌を同時に検出・識別する方法を提供することができる。

図面の簡単な説明

- [0014] [図1]640nmにおける(a) *Megasphaera cerevisiae* JCM6129株及び(b) *M. cerevisiae* SBC8034株の融解曲線である。

[図2]710nmにおける(c) *P. cerevisiophilus* VTT-E-79105株及び(d) *Pectinatus frisingensis* VTT-E-79100株の融解曲線である。

発明を実施するための最良の形態

- [0015] 以下、本発明の好適な実施形態について詳細に説明する。

- [0016] <ポリヌクレオチド>

まず、本発明のポリヌクレオチドについて説明する。本発明のポリヌクレオチドは、配列番号1に示す塩基配列の全部又は一部からなることを特徴とするが、配列番号1に示す塩基配列の相補配列の全部又は一部からなるポリヌクレオチドをも含む。ここで、配列番号1は、ビールを混濁させ得る偏性嫌気性グラム陰性菌である*Malephilus cerevisiae*の16S rRNA遺伝子の塩基配列を表わす。本発明のポリヌクレオチドは、以下に述べるように、*Malephilus cerevisiae*を検出する上で有用であり、*Malephilus cerevisiae*検出用プライマー、プライマーにより増幅された核酸断片、検出用プローブ等として使用可能である。また、本発明のポリヌクレオチドは蛍光物質等により化学修

飾されていてもよい。

[0017] 本発明のポリヌクレオチドが*Malephilus cerevisiae*検出用プライマー又は検出用プローブとして使用される場合には、ヌクレオチドの長さが15〜25であるオリゴヌクレオチドであることが望ましい。プライマーの設計は、当業者であれば容易に行うことができ、必要があれば、プライマー設計支援ソフトウェアを利用して設計することも可能である。

[0018] なお、本発明において「ポリヌクレオチド」及び「オリゴヌクレオチド」とは、DNA、RNA及びPNA(ペプチド核酸)を含む意味で用いられる。また、本発明のポリヌクレオチド及びオリゴヌクレオチドは、例えば、ホスホロアミダイト法等の公知の方法により合成することが可能である。

[0019] <*Malephilus cerevisiae*の検出>

次に、本発明の*Malephilus cerevisiae*検出用プライマーセット及びそれを用いた*Malephilus cerevisiae*の検出方法について説明する。本発明の*Malephilus cerevisiae*検出用プライマーセットは、配列番号2に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなることを特徴とし、両オリゴヌクレオチドは*Malephilus cerevisiae*の16S rRNA遺伝子に特異的な塩基配列を有していることから、*Malephilus cerevisiae*の16S rRNA遺伝子の特異的に増幅することができるため、*Malephilus cerevisiae*を特異的に検出することが可能である。

[0020] 本発明の検出方法により*Malephilus cerevisiae*の検出を行うには、まず、試料(例えば、ビールや発泡酒などの麦芽飲料)から核酸を抽出する。核酸の抽出は、当技術分野で公知の方法を使用することによりでき、具体的には例えば、フェノール抽出及びエタノール沈殿を行う方法、ガラスビーズを用いる方法などによりDNAを抽出することができ、AGPC法やグアニジン・塩化セシウム超遠心法などによりRNAを抽出することができる。

[0021] 次に、得られた核酸を鋳型とし、前記プライマーセットを用いて核酸断片を増幅する。増幅方法として、当技術分野で公知の増幅方法を用いることができるが、特に、PCR法又はRT-PCR法が好ましい。PCR法では、抽出されたDNAを鋳型として、DNAポリメラーゼにより、16S rRNA遺伝子のうちプライマーセットに挟まれた部分の塩

基配列からなる核酸断片が増幅される。PCR法では、変性、アニーリング、相補鎖合成からなるサイクルを繰り返すことにより核酸断片(二本鎖DNA)が、各工程の温度や時間、サイクル数等のPCRの最適条件は、当業者であれば用意に決定することができる。RT-PCR法では、抽出されたRNAを鋳型として、逆転写酵素によりcDNAを合成し、得られたcDNAを鋳型としてPCR法を行うものである。

[0022] 次に、増幅された核酸断片を検出する。すなわち、増幅された核酸断片が *Malephilus cerevisiae* に特異的なものか否かを判定する。検出は、当技術分野で公知の方法により行うことができ、例えば、*Malephilus cerevisiae* に特異的にハイブリダイズするプローブを用いたハイブリダイゼーションにより行うことが可能である。また、増幅された核酸断片の融解温度を測定することにより、核酸断片を検出することも可能である。

[0023] 融解温度の測定は、当技術分野で公知の方法により行うことができるが、例えば、増幅された核酸断片を含む溶液にSYBR Green Iなどの核酸染色試薬を添加し、溶液の温度を上昇させながら蛍光強度を連続的に測定し、得られた融解温度曲線进行分析することにより融解温度を測定することが可能である。核酸染色試薬は核酸断片を増幅する反応溶液に混ぜておくことができるため、核酸断片の増幅反応が終了後ただちに核酸断片を検出することができる。したがって、1つのチューブやキャピラリー内で、核酸断片を増幅する工程と得られた核酸断片を検出する工程とを連続して行えるため、核酸染色試薬を用いて増幅された核酸断片の融解温度を測定する方法が特に好ましい。また、本方法は、検出感度が高いという利点もある。

[0024] 本発明の *Malephilus cerevisiae* 検出用プライマーセットにより増幅される *Malephilus cerevisiae* 由来の核酸断片の融解温度は約88℃であり、試料の融解温度と比較することにより、試料中に *Malephilus cerevisiae* が含まれているか否かの判定を行うことができ、*Malephilus cerevisiae* の検出が可能である。

[0025] <ビール混濁菌の検出・識別>

最後に、本発明のビール混濁菌の検出・識別用プライマーセット、プローブセット及びキット並びにそれらを用いたビール混濁菌の検出・識別方法について説明する。

[0026] 本発明のビール混濁菌の検出・識別用プライマーセットは、それぞれ配列番号8、3

及び6に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドからなることを特徴とする。配列番号8に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドは、16S rRNA遺伝子のユニバーサルプライマーである。本発明のプライマーセットを用いることにより、様々なビール混濁菌の核酸断片を増幅することが可能である。

[0027] 本発明のビール混濁菌の検出・識別用プローブセットは、それぞれ配列番号4、7、5に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドからなることを特徴とする。本プローブセットは、以下に述べるように、様々なビール混濁菌の核酸断片を検出するのに用いることができ、ビール混濁菌を検出・識別することが可能である。

[0028] 本発明のビール混濁菌の検出・識別用キットは、前記プライマーセットと前記プローブセットを含むことを特徴とする。本キットは、さらに、反応バッファー、dNTP混合物、酵素などを含んでいてもよく、DNA抽出試薬などを含んでいてもよい。

[0029] 本発明の検出・識別方法によりビール混濁菌を検出・識別するには、まず、試料(例えば、ビールや発泡酒などの麦芽飲料)から核酸を抽出する。核酸の抽出は、前述と同様の方法により行うことができる。

[0030] 次に、得られた核酸を鋳型とし、前記プライマーセットを用いて核酸断片を増幅する。増幅は、前述と同様の方法により行うことができ、PCR法又はRT-PCR法が好ましい。

[0031] 次に、得られた核酸断片と前記プローブセットとのハイブリッドを形成させ、ハイブリッドの融解温度を測定する。融解温度の測定原理の概要は次のとおりである。配列番号4及び7に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドは、それぞれ5'末端が蛍光物質であるLC Red640及びLC Red705で標識されている(以下、それぞれ「Red 640プローブ」及び「Red705プローブ」という。)。一方、配列番号5に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドは、3'末端がFITCで標識されている(以下、「FITCプローブ」という。)。そして、各プローブは、FITCプローブの3'末端とRed640プローブ及びRed705プローブの5'末端とが近接してビール混濁菌の核酸断片とハイブリダイズするように設計されている。核酸断片にFITCプローブとRed640プローブ(又はRed705プローブ)とがともにハイブリダイズしている状態で、ハイブリッドにFITCの励起波長の光を照射すると、FRET(蛍光共鳴エネルギー移動)が生じ、Red640(

又はRed705)の蛍光波長の光が観察される。この状態から温度を上昇させていくと、FITCプローブ及び／又はRed640プローブ(又はRed705プローブ)が融解して核酸断片から剥がれていき、それに従ってFRETが生じなくなりRed640(又はRed705)の蛍光強度が減少していく。そして、各温度における蛍光強度を測定し、横軸に温度をとり、縦軸に蛍光強度(変化率も含む)をとれば、融解曲線が得られる。このようにして得られた融解曲線を解析することにより、ハイブリッドの融解温度を求めることができる。

[0032] FITCプローブ及び／又はRed640プローブ(又はRed705プローブ)は、核酸断片とのミスマッチの程度がビール混濁菌の種類によって差が生じるように設定してある。したがって、ビール混濁菌の種類によって、ハイブリッドの示す融解曲線及び融解温度が異なるため、その違いに基づいてビール混濁菌の種類を判別することが可能である。具体的には、*Malephilus cerevisiae*は約65℃、*Megasphaera cerevisiae*は約48℃及び約56℃、*Pectinatus frisingensis*は約63℃、*Pectinatus cerevisiiphilus*は約54℃の融解温度を示す。試料の融解温度とこれらの融解温度を比較することにより、試料中に含まれているビール混濁菌の検出・識別を行うことができる。

[0033] なお、本発明のプローブセットは、核酸断片を増幅する反応溶液に混ぜておくことができるため、核酸断片の増幅反応が終了後ただちに融解温度を測定することができる。したがって、本発明のビール混濁菌の検出・識別方法は、1つのチューブやキャピラリー内で核酸断片を増幅する工程と融解温度を測定する工程を連続して行えるという利点がある。

実施例

[0034] 以下、実施例を挙げて本発明について更に詳しく説明するが、本発明はこれらの実施例に限定されるものではない。

[0035] (実施例1) *M. cerevisiae*の植菌によるビールの混濁

M. cerevisiae SBC8034株を、0.2%のリンゴ酸を添加したGAM寒天培地(日水製薬社)で増殖させた。*M. cerevisiae* SBC8034株の1白金耳量を瓶入りの全麦芽ビール(pH4.5、苦味価30、アルコール5%、容量350mL)に植菌し、ビール瓶に打栓をし、30℃にて約1ヶ月間培養を行ったところ、ビールが混濁した。

[0036] 表1は培養1ヶ月後の混濁ビール中の有機酸の濃度(ppm)を示したものである。

M. cerevisiae SBC8034株を植菌した混濁ビールは、正常ビールに比べ、リンゴ酸やコハク酸の濃度が約2倍になっていた。

[0037] [表1]

有機酸	正常ビール	混濁ビール	% (混濁／正常)
リンゴ酸	89	162	182
コハク酸	66	168	255
乳酸	191	220	115
酢酸	158	221	140
プロピオン酸	< 1	< 1	—

[0038] (実施例2) 16S rRNA遺伝子のシーケンス

(ゲノムDNAの調製)

M. cerevisiae SBC8034株を、0.2%のリンゴ酸を添加したGAM寒天培地に植菌し、30℃にて、7～14日間、嫌気培養を行った。なお、嫌気培養は、タバイエスペック社製の嫌気培養装置を用い、 $N_2:H_2:CO_2=90:5:5$ という条件で行った。嫌気培養した*M. cerevisiae* SBC8034株の菌体から、DNA抽出液PrepMan Ultra(アプライド・バイオシステムズジャパン社)を用いて、DNAの抽出を行った。

[0039] (16S rRNA遺伝子の増幅・解析)

上記方法により調製したDNA抽出液について、MicroSeq Full Gene 16S rDNAキット(アプライド・バイオシステムズジャパン社)を用いて、*M. cerevisiae* SBC8034株の16S rRNA遺伝子のシーケンスを行った。シーケンスの結果得られた*M. cerevisiae* SBC8034株の16S rRNA遺伝子配列を配列番号1に示す。本遺伝子配列は、ビールを混濁させる偏性嫌気性グラム陰性菌であるペクチネータス属菌及びメガスフェラ属菌の遺伝子配列とは、明らかに異なっていた。さらに、GenBank等のデータベース検索を行ったが、登録されている何れの遺伝子配列とも一致しなかった。従って、*M. cerevisiae*はビールを混濁させる新規な偏性嫌気性グラム陰性菌であることが明らかとなった。

[0040] (実施例3)リアルタイムPCRを用いた*M. cerevisiae*の検出および識別

実施例2と同様の方法により、ビールを混濁させ得る様々な菌株からDNAを抽出し

、得られたDNA抽出液について、配列番号2及び3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドをプライマーとして用いて、表2に示した反応試薬の組成でPCRを行った。

[0041] [表2]

試薬	容量
LightCycler-FastStart DNA Master SYBR Green I*	2.0 μ L
プライマー (10 μ M)	各 1.0 μ L
MgCl ₂ (25 mM)	1.6 μ L
滅菌水	13.9 μ L
DNA抽出液	0.5 μ L
合計	20.0 μ L

* : ロシュ・ダイアグノスティックス社製

[0042] 反応装置にLightCyclerクイックシステム330(ロシュ・ダイアグノスティックス社製)を用い、95℃で10分間処理した後、1サイクルを95℃で15秒間、50℃で5秒間、72℃で20秒間とし、それを40サイクル繰り返すことによりPCRを行った。

[0043] PCR終了後引き続いて95℃まで温度を上昇させた後、直ちに65℃まで冷却し、同温度を15秒間保持した後、20℃/秒の割合で95℃まで温度を上昇させた。この加熱の間、530nmの蛍光強度を0.2℃毎に測定し、その値の一次微分の負の値(-dF/dT)をプロットして生じるピークにより融解温度を決定した。

[0044] 表3に様々な菌株のPCR産物に対して融解温度約88℃のピークが出現したか否かを示す。表3から明らかなように、*M. cerevisiae*のみに約88℃の融解温度を示すピークが観察された。このことから、配列番号2及び3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドからなるプライマーセットを用いることにより、*M. cerevisiae*を特異的に検出できることが明らかとなった。

[0045] なお、使用した一部の菌株(サッポロビール分離株)については、実施例2と同様の方法により、16S rRNA遺伝子配列からの菌種決定を行った。

[0046] [表3]

供試菌株（グラム陰性菌）	88℃のピーク	供試菌株（グラム陽性菌）	88℃のピーク
<i>Malephilus cerevisiae</i> SBC8034	+	<i>Lactobacillus brevis</i> SBC8003	—
<i>Malephilus cerevisiae</i> SBC8065	+	<i>Lactobacillus brevis</i> ID197-1	—
<i>Malephilus cerevisiae</i> SBC8066	+	<i>Lactobacillus collinoides</i> JCM1123	—
<i>Pectinatus cerevisiiphilus</i> VTT-E-79105	—	<i>Lactobacillus buchneri</i> JCM1115	—
<i>Pectinatus frisingensis</i> VTT-E-79100	—	<i>Lactobacillus lindneri</i> VTT-E-82166	—
<i>Pectinatus frisingensis</i> ID107-9	—	<i>Lactobacillus paracasei</i> ID196-1	—
<i>Megasphaera cerevisiae</i> JCM6129	—	<i>Lactobacillus malefermentans</i> ID140-3	—
<i>Prevotella corporis</i> JCM8529	—	<i>Lactobacillus plantarum</i> ID158-1	—
<i>Zymomonas mobilis</i> subsp. <i>mobilis</i> IF013756	—	<i>Lactobacillus coryniformis</i> subsp. <i>coryniformis</i> JCM1164	—
<i>Enterobacter aerogenes</i> JCM1235	—	<i>Pediococcus damnosus</i> BC8022	—
<i>Klebsiella aerogenes</i> ATCC15050	—	<i>Lactococcus lactis</i> ID169-1	—
<i>Rahnella aquatilis</i> ID252-2	—	<i>Staphylococcus warneri</i> ID249	—
<i>Cedecea davisae</i> ID313-9	—		

JCM: Japan Collection of Microorganisms, Saitama, Japan

ATCC: American Type Culture Collection, USA

VTT: Valtion Teknillinen Tutkimuskeskus, Finland

SBC, ID: サッポロビール分離株

- [0047] (実施例4)リアルタイムPCRを用いた偏性嫌気性グラム陰性菌の検出および識別
 実施例2と同様の方法により調製した様々な菌株のDNA抽出液について、プライマーとして配列番号8に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチド(16S rRNA遺伝子のユニバーサルプライマー、5'-TGGAGAGTTTGATCCTGGCTC-3')並びに配列番号3及び6に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドを使用し、プローブとして配列番号4の塩基配列からなるオリゴヌクレオチド(3'末端をリン酸化し、5'末端をLC Red640でラベルしてある)、配列番号7の塩基配列からなるオリゴヌクレオチド(3'末端をリン酸化し、5'末端をLC Red705でラベルしてある)及び配列番号5の塩基配列からなるオリゴヌクレオチド(3'末端をFITCでラベルしてある)を使用し、表4に示した反応試薬の組成でPCRを行った。

- [0048] [表4]

試薬	容量
LightCycler-FastStart DNA Master Hybridization Probes*	2.0 μ L
プライマー (10 μ M)	各 1.0 μ L
プローブ (10 μ M)	各 0.4 μ L
MgCl ₂ (25 mM)	1.6 μ L
滅菌水	11.7 μ L
DNA抽出液	0.5 μ L
合計	20.0 μ L

* : ロッシュ・ダイアグノスティックス社製

[0049] 反応装置に、LightCyclerクイックシステム330(ロッシュ・ダイアグノスティックス社製)を用い、95℃で10分間処理した後、1サイクルを95℃で15秒間、50℃で5秒間、72℃で20秒間とし、それを40サイクル繰り返すことによりPCRを行った。

[0050] PCR終了後引き続いて95℃まで温度を上昇させた後、直ちに40℃まで冷却し、同温度を15秒間保持した後、20℃/秒の割合で95℃まで温度を上昇させた。この加熱の間、640nm及び710nmの蛍光強度を0.2℃毎に測定し、その値の一次微分の負の値(-dF/dT)をプロットして生じるピークにより融解温度を決定した。

[0051] その結果、*M. cerevisiae* SBC8034株は640nmで約65℃、*Megasphaera cerevisiae* JCM6129株は640nmで約48℃及び約56℃、*Pectinatus frisingensis* VTT-E-79100株は710nmで約63℃、*P. cerevisiophilus* VTT-E-79105株は710nmで約54℃の融解温度を示すピークが観察された。図1及び図2は、蛍光強度の変化率(-dF/dT)と温度(℃)との関係を表わす融解曲線である。図1は640nmにおける(a) *Megasphaera cerevisiae* JCM6129株及び(b) *M. cerevisiae* SBC8034株の融解曲線を、図2は710nmにおける(c) *P. cerevisiophilus* VTT-E-79105株及び(d) *Pectinatus frisingensis* VTT-E-79100株の融解曲線を示す。上記の4つの菌株以外の菌株は、融解曲線においてピークを示さなかった。なお、本実施例において用いた菌株は表3に示した菌株と同一である。

[0052] 以上より、上記プライマーおよびプローブを用いることにより、同時に複数の偏性嫌気性グラム陰性菌の検出・識別をすることが可能であることが確認された。

産業上の利用可能性

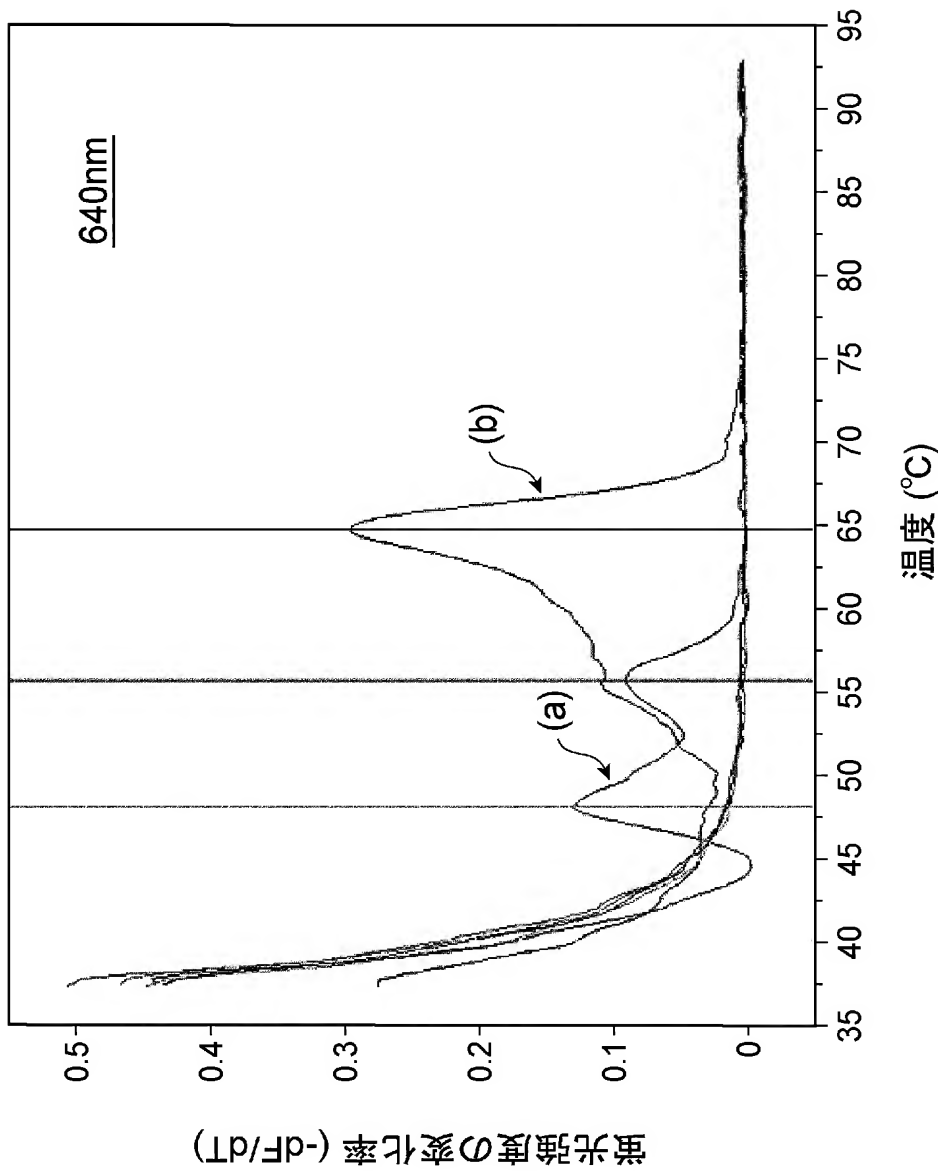
[0053] 本発明は、様々なビール混濁菌を同時に検出・識別できるため、ビールの品質管

理に利用することができる。

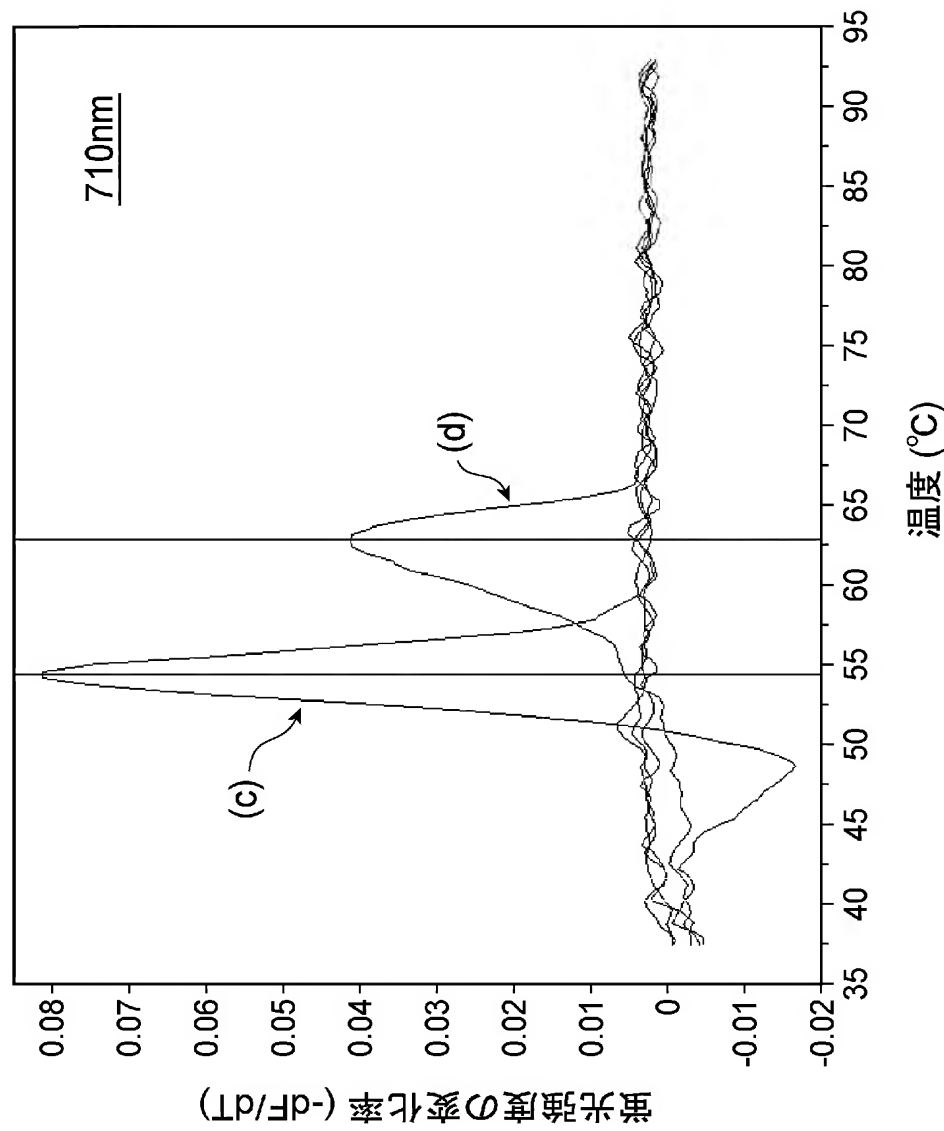
請求の範囲

- [1] 配列番号1に示す塩基配列の全部又は一部からなるポリヌクレオチド。
- [2] 配列番号2に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなる、マレフィラス・シェルビシエ (*Malephilus cerevisiae*) 検出用プライマーセット。
- [3] 配列番号8に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号3に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号6に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなるビール混濁菌の検出・識別用プライマーセット。
- [4] 配列番号4に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号7に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドと配列番号5に示す塩基配列からなるオリゴヌクレオチドとからなるビール混濁菌の検出・識別用プローブセット。
- [5] 請求項3記載のプライマーセット及び請求項4記載のプローブセットを含むことを特徴とするビール混濁菌の検出・識別用キット。
- [6] 請求項2記載のプライマーセットを用いて核酸断片を増幅する工程、及び、得られた核酸断片を検出する工程を含むことを特徴とする遺伝子増幅法によるマレフィラス・シェルビシエ (*Malephilus cerevisiae*) の検出方法。
- [7] 請求項3記載のプライマーセットを用いて核酸断片を増幅する工程、及び、得られた核酸断片と請求項4記載のプローブセットとのハイブリッドの融解温度を測定する工程を含むことを特徴とするビール混濁菌の検出・識別方法。

[図1]



[図2]



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2005/002335

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
Int.Cl.⁷ C12N15/11, C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl.⁷ C12N15/11, C12Q1/68

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Jitsuyo Shinan Koho 1922-1996 Jitsuyo Shinan Toroku Koho 1996-2005
Kokai Jitsuyo Shinan Koho 1971-2005 Toroku Jitsuyo Shinan Koho 1994-2005

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

BIOSIS (DIALOG), JICST FILE (JOIS), MEDLINE (STN), REGISTRY (STN), WPI (DIALOG),
SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, PubMed

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	RAMSAK, A., et al., NCBI Entrez Nucleotide [online]; Submitted (09-FEB-2000), Accession No.AF218618.	1
A	JP 10-210980 A (Asahi Breweries, Ltd.), 11 August, 1998 (11.08.98), Full text (Family: none)	2-7
A	JP 2001-231564 A (Asahi Breweries, Ltd.), 28 August, 2001 (28.08.01), Full text (Family: none)	2-7

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
09 May, 2005 (09.05.05)

Date of mailing of the international search report
24 May, 2005 (24.05.05)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2005/002335

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	JP 2002-125677 A (Asahi Breweries, Ltd.), 08 May, 2002 (08.05.02), Full text (Family: none)	2-7
A	JP 2003-61674 A (Asahi Breweries, Ltd.), 04 March, 2003 (04.03.03), Full text (Family: none)	2-7
A	JP 2003-61675 A (Asahi Breweries, Ltd.), 04 March, 2003 (04.03.03), Full text (Family: none)	2-7
A	SCHRÖTER, Matthias., et al., Genotyping of hepatitis C virus types 1, 2, 3, and 4 by a one-step LightCycler method using three different pairs of hybridization probes., Journal of Clinical Microbiology., 2002, Vol.40, No.6, pages 2046 to 2050	7

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int.Cl.⁷ C12N15/11, C12Q1/68

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int.Cl.⁷ C12N15/11, C12Q1/68

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

日本国実用新案公報	1922-1996年
日本国公開実用新案公報	1971-2005年
日本国実用新案登録公報	1996-2005年
日本国登録実用新案公報	1994-2005年

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

BIOSIS(DIALOG), JICST ファイル(JOIS), MEDLINE(STN), REGISTRY(STN), WPI(DIALOG), SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq, PubMed

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	RAMSAK, A., ET AL., NCBI Entrez Nucleotide [online]; Submitted (09-FEB-2000), Accession No. AF218618.	1
A	JP 10-210980 A (アサヒビール株式会社) 1998. 08. 11, 全文 (ファミリーなし)	2-7
A	JP 2001-231564 A (アサヒビール株式会社) 2001. 08. 28, 全文 (ファミリーなし)	2-7

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であつて出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」 特に関連のある文献であつて、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」 特に関連のある文献であつて、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

09. 05. 2005

国際調査報告の発送日

24. 5. 2005

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

上條 肇

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

4B

3535

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	JP 2002-125677 A (アサヒビール株式会社) 2002. 05. 08, 全文 (ファミリーなし)	2-7
A	JP 2003-61674 A (アサヒビール株式会社) 2003. 03. 04, 全文 (ファミリーなし)	2-7
A	JP 2003-61675 A (アサヒビール株式会社) 2003. 03. 04, 全文 (ファミリーなし)	2-7
A	SCHRÖTER, Matthias., et al., Genotyping of hepatitis C virus types 1, 2, 3, and 4 by a one-step LightCycler method using three different pairs of hybridization probes., Journal of Clinical Microbiology. 2002, Vol.40, No. 6, pages 2046-2050.	7